

направления организационной работы с ними, а также более активное вмешательство дерматовенерологов в диагностический процесс. Внедрение в лабораторное обследование таких серологических методов, как ИФА, РИФ-abs, РПГА, иммуноблотинг IgG, IgM позволяет оптимизировать диагностику сифилиса не только в его ранних, но и поздних проявлениях.

#### **Литература:**

1. Адашкевич, В. П. Европейские стандарты диагностики и лечения заболеваний, передаваемых половым путём / В. П. Адашкевич. – 2003. – С. 50–70.
2. Дмитриев, Г. А. Сифилис: феномен, эволюция, новация / Г. А. Дмитриев, О. В. Доля, Т. И. Васильева. – М. : Бином, 2010. – 367 с.
3. Разработка новой стратегии контроля над распространением инфекций, передаваемых половым путем, на территории Российской Федерации / А. А. Кубанова [и др.] // Вестн. дерматологии и венерологии. – 2009. – № 3. – С. 4–12.

### **ОБОСНОВАНИЕ ВЫБОРА ТЕСТОВ ПРИ РАЗРАБОТКЕ ТЕСТ-СИСТЕМЫ ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ СТРЕПТОКОККОВ**

***Окулич В.К., Плотников Ф.В., Кабанова А.А., Шилин В.Е.,  
Федянин С.Д., Бабака Н.К.***

УО «Витебский государственный медицинский университет»

**Актуальность.** Проведение рациональной антибиотикотерапии стрептококковых инфекций невозможно без быстрой и точной этиологической диагностики. Тест-системы для быстрой биохимической идентификации основаны на определении биохимических свойств микроорганизмов. Существует огромное разнообразие тест-систем для идентификации, основанных на учете изменения субстратного профиля (в том числе хромогенного или флуорогенного субстрата). Однако для идентификации стрептококков тест-систем в Республике Беларусь не производится, что определило актуальность нашего исследования [2].

Решение задачи идентификации – отнесение исследуемого образца на основе определенного правила к какому-либо классу при исследовании его характеристик. Эти характеристики являются описаниями классов.

В данном случае классы – это 44 микроба рода *Streptococcus*, характеристики – 24 субстрата. В качестве правила отнесения к какому-либо классу используется расчет и выбор наименьшего Евклидова расстояния между исследуемым образцом и этими классами в 24-мерном пространстве.

Первоочередная задача – это выбор комбинации 24 субстратов из таблицы Берджи, позволяющих наилучшим образом проводить идентификацию. Выбор необходимо провести объективно: с использованием математического аппарата. В качестве объективного критерия выбираем

идентификацию. Выбор необходимо провести объективно: с использованием математического аппарата. В качестве объективного критерия выбираем информативность. Информативность субстрата должна показать, насколько он характеризует состояние класса и всей выборки в целом, то есть насколько от него зависит принятие решение при идентификации.

В теории информации существуют различные методы расчета информативности: метод Шеннона, метод Кульбака, метод накопленных частот (далее по тексту - МНЧ), метод Фишера. Выбор метода зависит от области применения, конкретной постановки задачи, а также свойств анализируемых признаков объектов: способа их кодировки, объема выборки, количества градаций признаков. В медицине большой популярностью пользуются методы Кульбака, Шеннона, МНЧ [1].

Цель – выбор тестов при разработке тест-системы для идентификации стрептококков с учетом способности формировать биопленку.

Материалы и методы. В качестве метода расчета информативности выбран метод Шеннона, так как он позволяет рассчитывать информативность для любого количества классов, а результаты являются нормализованными, т.е. лежат в пределах 0-1 и легко поддаются анализу.

Метод Шеннона предлагает оценивать информативность как средневзвешенное количество информации, приходящиеся на различные градации признака. Информативность  $i$ -ого признака рассчитывается по формуле:

$$I(X_i) = 1 + \sum_{i=1}^G (P_i \sum_{k=1}^K P_{i,k} * \log_k P_{i,k}) \quad (1), \text{ где}$$

$G$  – количество градаций признака;  $K$  – количество классов;  $P_i$  – вероятность  $i$ -той градации признака.

$$P_i = \frac{\sum_{k=1}^K m_{i,k}}{N} \quad (2), \text{ где}$$

$m_{i,k}$  – частота появления  $i$ -той градации в  $K$ -том классе;  $N$  – общее число наблюдений.

$$P_{i,k} = \frac{m_{i,k}}{\sum_{k=1}^K m_{i,k}} \quad (3), \text{ где}$$

$P_{i,k}$  – вероятность появления  $i$ -той градации признака в  $K$ -том классе.

Для данного метода исследователю необходимо самому задать число градаций признака  $i$ , а также границы интервалов каждой градации. Так как метод Шеннона не зависит от числа градаций, то при выборе данных величин нужно исходить из диапазона самих выборок.

**Результаты и обсуждение.** Для вычисления информативности по Шеннону был разработан следующий алгоритм, который затем был реализован в виде отдельной функции программы идентификации (рисунок 1).

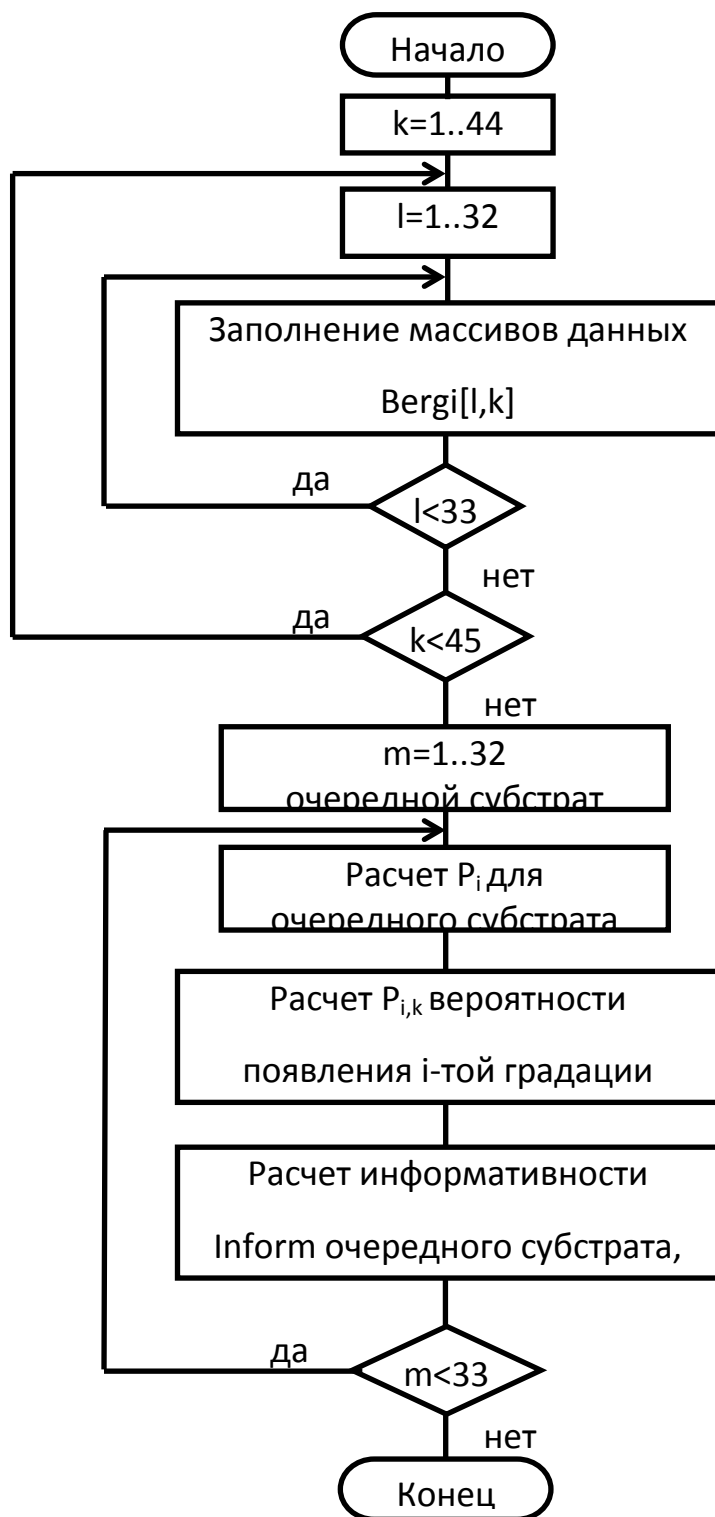


Рисунок 1 – Алгоритм вычисления информативности по Шеннону  
Результаты расчетов записывались в текстовый файл с заранее определенным именем 'с:\Informavivnost.txt'. В дальнейшем они были преобразованы в таблицу 1.

**Таблица 1.** Информативность отдельных диагностических тестов

bGAR	0.706291762281806
GTA	0.689752412250478
TAG	0.684615328673894
bGAL	0.650169209906056
PAL	0.640059167015037
bNAG	0.633789309161167
MbDG	0.598121125159903
RAF	0.592284744371048
SOR	0.587734769087419
HIP	0.584763186308815
aGAL	0.582955477826106
RIB	0.544423947997944
MAN	0.544055388473566
bGLU	0.543612041209095
MEL	0.541946821518661
VP	0.541343205119348
GLYG	0.534687097322296
CDEX	0.523734630367105
PUL	0.522626612532188
ADH	0.516538511445277
TRE	0.513505748041421
PYRA	0.500866662504714
LAC	0.454817216869662
bMAN	0.447543102656959
LARA	0.441567308945729
bGUR	0.338215034436164
APPA	0.301741696756098
URE	0.29329742405358
SAC	0.291669476953424
MAL	0.252704401530065
MLZ	0.250758655304904
DARL	0.169421771296366

**Выводы.** В результате полученных данных, а также с учетом коммерческих соображений имеем список субстратов для идентификации микробов рода *Streptococcus*: bGAR (резорифин-βDгалактопиранозид), TAG (D-тагатоза), bGAL (2-нафтил- βDгалактопиранозид), PAL (4-нитрофенил-

βD-галактопиранозид-2-СНА), MbDG (метил-βD-глюкопиранозид), RAF (D-раффиноза), HIP (натрия гиппурат), aGAL (4-нитрофенил-αD-галактопиранозид), RIB (D-рибоза), MAN (D-маннит), bGLU (резорифин-βD-глюкопиранозид), MEL (D-мелибиоза), VP (натрия пируват), CDEX (α-циклодекстрин), PUL (пуллулан), ADH (L-аргинин), TRE (D-трегалоза), PYRA (пироглютаминат-β-нафтиламид), LAC (D-лактоза), LARA (L-арабиноза), bGUR (резорифин-βD-глюкуронид), SAC (D-сахароза), MAL (D-мальтоза), MLZ (D-мелицитоза).

#### **Литература:**

1. Разработка программного обеспечения для автоматического учета тест-систем с целью идентификации стрептококков / В. К. Окулич [и др.] // Современ. проблемы инфекц. патологии человека : сб. науч. тр. / М-во здравоохран. Респ. Бел., РНПЦ эпидемиологии и микробиологии ; под. ред.: Л. П. Титова. – Минск : ГУ РНМБ, 2017. – Вып. 10. – С. 178–182.
2. Шилин, В. Е. Тест-системы «ИД-энтер» и «АБ-грам (-)» для определения этиологической роли грамотрицательных микроорганизмов и спектра их резистентности к антибиотикам при синдроме диабетической стопы / В. Е. Шилин, В. К. Окулич, В. П. Булавкин // Вестн. ВГМУ. – 2011. – Т. 10, № 4. – С. 30–36.

### **МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА ПАРВОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ**

**Семенов В.М., Дмитраченко Т.И., Редненко А.В., Щигун Н.В.,  
Марченко А.А.**

УО «Витебский государственный медицинский университет»

Парвовирусы являются к одним из самых мелких вирусов (от латинского *parvum* – маленький), широко распространены в природе. В самостоятельное семейство они были выделены в 1973 г. и в настоящее время известно более 50 вирусов, патогенных для млекопитающих, птиц и насекомых [1]. В 1974 г. Y. Cossat в Лондоне описал патогенный для человека парвовирус B19, вызывающий инфекционную эритему. Позднее в 1981-83 гг. J. Pattison установил этиологическую роль парвовируса B19 при апластическом кризе у детей с анемией, а в 1985 г. в Великобритании была выявлена связь между этим вирусом и развитием артропатий [1,2].

Парвовирусы относятся к простым безоболочечным вирусам размерами 18-26 нм. Геном представлен линейной одноцепочной ДНК, причем у вируса B19 в разных вирионах может быть либо позитивная цепь ДНК, либо негативная. Обе цепи комплементарны друг другу и *in vitro* могут образовывать двухспиральную ДНК. Небольшой размер генома ( $4-6 \times 10^3$  п.о.) позволяет этим вирусам репродуцироваться только в быстро делящихся клетках. Клетками-мишенями для вируса B19 являются клетки-